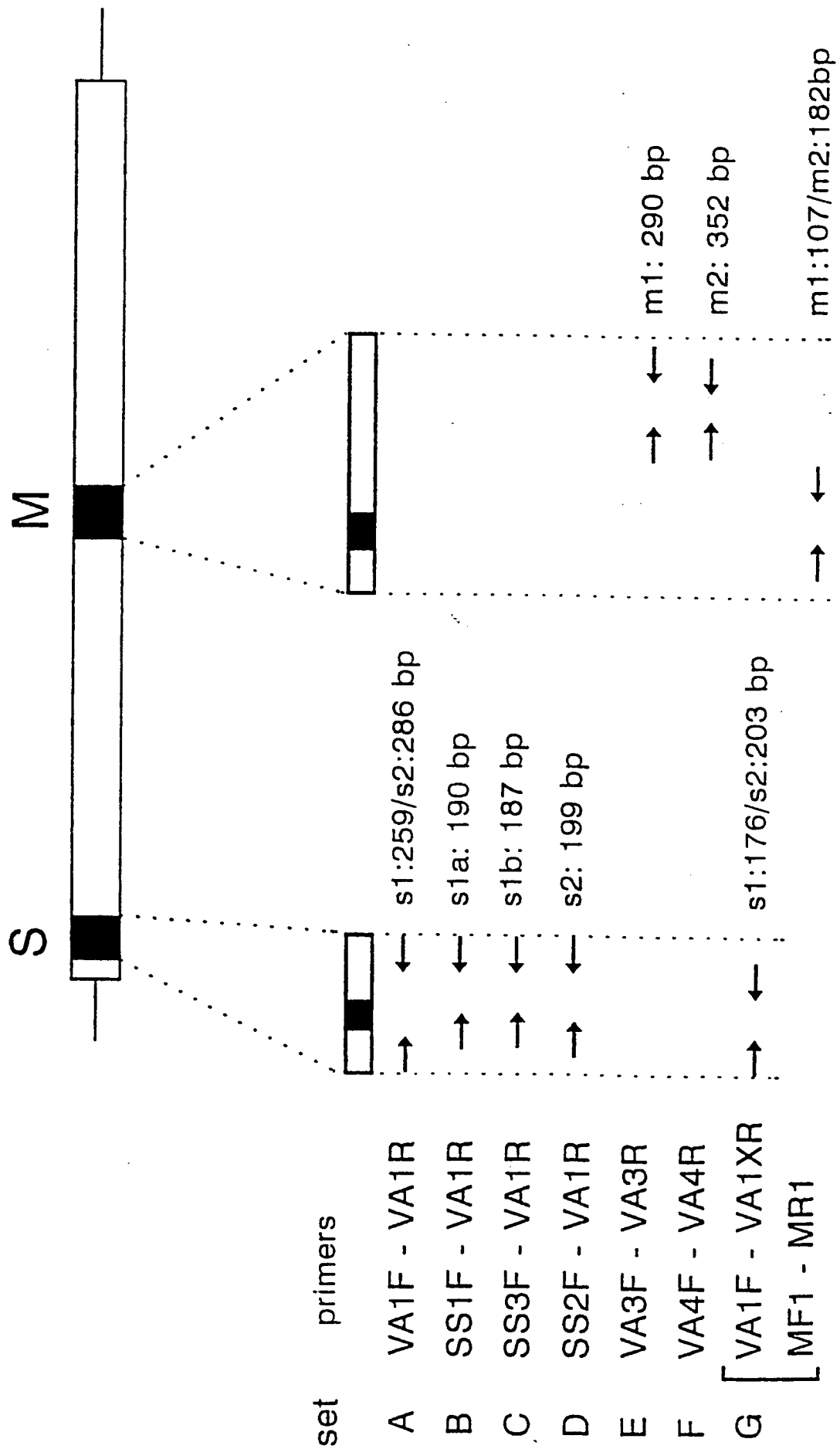


Figure 1



1
 C7145_S1 ATGGGAATACAAACAAACACCCCGCAAATCAATCGCCCTCTGGTTTCTCT
 F30_VALF -----
 F32_VALF VA1 - F -----N-----
 F74_VALF G-----Y-----
 C4062_VALF -----T-A-----
 C4330_VALF -----
 C4705_VALF -----
 C5625_VALF G-----T-A-----
 C4619_VALF -----A-----
 43504_VALF -----
 F67_VALF -----T-A-----
 F68_VALF -----T-A-----C
 F73_VALF --TGA-----
 F76_VALF -----T-A-----
 F42_VALF -----T-A-----
 F12_VALF CTA-----T-A-----
 F25_S1 -----T-A-----
 F31_VALF -----T-A-----
 F43_VALF -----T-----
 F63_VALF -----T-A-----
 F69_VALF -----T-A-----
 F70_VALF -----
 F46_VALF -----
 F66_VALF G-----T-A-----
 F8_VALF -----T-----
 C4598_VALF -----A-TA-----
 C4601_VALF -----T-A-----
 C4602_VALF -----T-A-----

51 P₂₂S₁A P₁S₁ SS₁F
 C7145_S1 CGCTTAGTAGGAGCATTAGTGCATCACACCGCAACAAAGTCATGCCG
 F30_VALF -----G-----
 F32_VALF -----N-----N-----N-----
 F74_VALF T-----GR-T-YRY-Y-----
 C4062_VALF -----G-GTT-G-----A-A-----
 C4330_VALF -----G-----
 C4705_VALF -----G-----
 C5625_VALF T-----G-----
 C4619_VALF -----G-----
 43504_VALF T-----G-----
 F67_VALF T-T-----C-----G-GA-T-GC-T-----
 F68_VALF T-T-----C-----G-GA-T-TC-T-----
 F73_VALF T-T-----C-----G-GA-T-GC-T-----
 F76_VALF T-T-----C-----G-GA-T-TC-T-----
 F42_VALF T-T-----C-----G-GA-T-GC-T-----
 F12_VALF T-T-----C-----G-GA-T-GC-T-----
 F25_S1 T-T-----C-----G-GA-T-GC-T-----G-G-
 F31_VALF T-T-----C-NN-----G-GA-T-RC-T-----G-G-
 F43_VALF T-T-----C-----G-GA-T-TC-T-----G-G-
 F63_VALF T-T-----C-----G-GA-T-TC-T-----G-G-
 F69_VALF T-T-----C-N-----G-NA-T-TGC-T-----N-N-
 F70_VALF T-T-----C-----G-GA-T-TGC-T-----G-G-
 F46_VALF T-T-----C-----G-GA-T-TC-T-----G-G-
 F66_VALF T-T-----C-----G-GA-T-TGC-T-----G-G-
 F8_VALF T-T-----C-----G-GA-T-TC-T-----G-G-
 C4598_VALF T-T-----C-----G-GA-T-TC-T-----G-----
 C4601_VALF T-T-----C-----G-GA-T-TGC-T-----G-G-CT-----
 C4602_VALF T-T-----C-----G-TA-T-GC-T-----G-G-----

P₂₂S₁bP₁S₁bSS₃F

Fig 2a - 1

101
07145_S1 CCCTTTTTCACACCGGTGATCATTCAGCCATTGTTGGGGGTATCGCTACA
F30_VA1F -----
F32_VA1F -----N-----N-----
F74_VA1F -----Y--R-----R-----
C4082_VA1F -----R-----A-----
C4330_VA1F -----A-----
C4705_VA1F -----T-----A-----
C5825_VA1F -----A-----
C4819_VA1F -----G-----
43504_VA1F -----G-----
F67_VA1F -----G-----
F68_VA1F -----
F73_VA1F -----G-----
F76_VA1F -----
F42_VA1F -----G--N-----NNNN-----
F12_VA1F -----C-----T-----
F25_S1 -----N-----
F31_VA1F -----T--N-----
F43_VA1F -----
F63_VA1F -----
F69_VA1F -----N--N-----C-----
F70_VA1F -----G-----C-----
F46_VA1F -----
F86_VA1F -----G-----C-----
F8_VA1F -----M-----G-----
C4598_VA1F -----G-----C-----
C4601_VA1F -----
C4602_VA1F -----G-----C-----

151
VA1XR
G3CACCGCTGTAGGAACGGTCTCAGGGTCTTAGCTGGGGGCTCAAACA
07145_S1 -----T--A--A-----
F30_VA1F -----T--A--A-----
F32_VA1F -----T--R-----
F74_VA1F -----T-----
C4082_VA1F --TG-T-----G-T-----
C4330_VA1F --G-T-----
C4705_VA1F --G-T-----
C5825_VA1F --G-T-----T-----G-----A-----
C4819_VA1F --G-T-----
43504_VA1F --G-T-----
F67_VA1F -----T-----
F68_VA1F -----T-----
F73_VA1F -----T-----
F76_VA1F -----T-----
F42_VA1F -----
F12_VA1F --G-T-----T-----A-----
F25_S1 -----N--Y--T-----A--NW-----
F31_VA1F --YG-T-----
F43_VA1F --G-T-----
F63_VA1F -----A-----
F69_VA1F -----T-----A--N-----
F70_VA1F -----T-----A-----
F46_VA1F --G-T-----
F86_VA1F -----T-----A-----
F8_VA1F --G-T-----N--Y-----NW-----
C4598_VA1F --G-T-----
C4601_VA1F -----T-----A-----
C4602_VA1F -----T-----A-----

Fig 2a -2

VA1-R

201
 07145_S1 AGCCGAAGAAGCCCAATAAAACCCAGATAAACCCGATAAAGTTTGGCGCA
 F30_VA1F -----
 F32_VA1F -----
 F74_VA1F -----S-----R-----
 C4082_VA1F -----
 C4330_VA1F -----
 C4705_VA1F -----C-----G---G---C-----
 C5825_VA1F -----
 C4819_VA1F -----G---C-----
 43504_VA1F -----
 F67_VA1F -----
 F68_VA1F ---Y---S---S-----G---
 F73_VA1F -----
 F76_VA1F -----C-----G---G---C---
 F42_VA1F -----
 F12_VA1F -----G---
 F25_S1 -----G-----
 F31_VA1F -----C-----G---
 F43_VA1F -----G-----
 F63_VA1F -----G-----
 F69_VA1F -----G-----
 F70_VA1F -----G-----TAT--A--CGAT--AG--T-GCGC
 F46_VA1F -----G-----
 F88_VA1F -----G-----TAT--A--C
 F8_VA1F -----G-----
 C4598_VA1F -----C-----G---G---C---
 C4601_VA1F -----G-----
 C4602_VA1F -----G-----

251
 07145_S1 TTCAAGCAG
 F30_VA1F -----
 F32_VA1F -----
 F74_VA1F -----
 C4082_VA1F -----
 C4330_VA1F -----
 C4705_VA1F -----
 C5825_VA1F -----
 C4819_VA1F -----
 43504_VA1F -----
 F67_VA1F -----
 F68_VA1F -----
 F73_VA1F -----
 F76_VA1F -----
 F42_VA1F -----
 F12_VA1F -----
 F25_S1 -----
 F31_VA1F -----
 F43_VA1F -----
 F63_VA1F -----
 F69_VA1F -----
 F70_VA1F A-TC-AG -----
 F46_VA1F -----
 F88_VA1F -----
 F8_VA1F -----
 C4598_VA1F -----
 C4601_VA1F -----
 C4602_VA1F -----

Seq ID No

40
 41
 42
 43
 44
 45
 46
 47
 48
 49
 50
 51
 52
 53
 54
 55
 56
 57
 58
 59
 60
 61
 62
 63
 64
 65
 66

Fig 2a-3

1
 29401_S2 ATGGAAATACAACAAACACACCGCAAATCAATCGCCCTATTATTCTCT
 F24_VA1F
 F28_VA1F VA1-F
 F90_VA1F
 C3964_VA1F -----C-----
 C4599_VA1F -----C-----
 C4600_VA1F -----C-----
 C6125_VA1F -----C-----

51 VAS2
 29401_S2 CGCTTTAGTGGGGGTGTTAATGGGCACCGAACTGGGGCTAACACGCCAA
 F24_VA1F -----A-----T-----
 F28_VA1F -----T-----A-----
 F90_VA1F -----CA-----A-T-----A-----
 C3964_VA1F ---C-----T-----A-----
 C4599_VA1F ---C-----T-----A-----
 C4600_VA1F -----R-----A-----
 C6125_VA1F -----A-----A-----A-----

P2S2
 101
 29401_S2 ATGATCCCATACACAGCGAGATCGCGCTTCACAACCGTGATCAT
 F24_VA1F ---C-----C-----
 F28_VA1F ---C-----C-----T-----
 F90_VA1F ---C-----C-----T-----
 C3964_VA1F ---C-----C-----T-----
 C4599_VA1F ---C-----C-----
 C4600_VA1F ---C-----C-----
 C6125_VA1F ---C-----C-----T-----T-----
 S general

VA1-R
 251
 29401_S2 CCAGCCATTGTTGGGGGTATCGCTACAGGCGCTGCTGTAGGAACGGTTTC
 F24_VA1F -----C-----A-----C-----
 F28_VA1F -----
 F90_VA1F -----C-----
 C3964_VA1F -----
 C4599_VA1F ---A-----T-----C-----
 C4600_VA1F -----C-----
 C6125_VA1F -----C-----

201
 29401_S2 AGGGCTTCTTAGCTGGGGGCTCAAACAGTGGAAACCAATAAGCCC
 F24_VA1F ---T-----A-----G-----G-----A-----
 F28_VA1F -----
 F90_VA1F -----TC-----
 C3964_VA1F -----
 C4599_VA1F -----
 C4600_VA1F -----
 C6125_VA1F -----

251
 29401_S2 CGGACAAACCCGATAAAGTTTGGCGCATTCAAGCAG Seq ID N°
 F24_VA1F -A-----
 F28_VA1F --
 F90_VA1F -
 C3964_VA1F -----
 C4599_VA1F -----
 C4600_VA1F ---T-----
 C6125_VA1F ---T-----
 63
 63
 63
 63
 63
 63
 63

Fig 2b-1

		M1F		P ₁ M ₁	
	1				
05676_M		TTTAAAGGTGGATGCTCATACAGCTAA		TTTAAAGGTATTGATACGGGTA	
07145_M		-----		-----	
F12_M		-----		-----	
F30_M		-----		-----	
43504_M		-----A-----		-----	
F43_M		-----		-----	
F67_M		-----A-----		-----	
C5654_M		-----A-----		-----T-----	
C4602_M		-----		-----	
F32_M		-----A-----		-----	
C4601_M		-----		-----	
	51	P ₂ M ₁	M general		M1R
05676_M		ATGGTGGTTTCAACACCTTAGATTTTAGTGGTGTACAAACAAGTCAAT			
07145_M		-----	-----C-----	-----G-----A-----	
F12_M		-----	-----	-----GGT-----	
F30_M		-----	-----	-----GGT-----	
43504_M		-----	-----G-----C-----	-----G-----A-----	
F43_M		-----	-----	-----GGT-----	
F67_M		-----	-----	-----GGT-----	
C5654_M		-----	-----	-----A-----	
C4602_M		-----	-----	-----GGT-----	
F32_M		-----	-----	-----GGT-----	
C4601_M		-----	-----	-----GGT-----	
	101				
05676_M		ATCAACAAGCTCATTACGGCTTCCACTAATGTGSCCGTTAAAACTTCAA			
07145_M		-----			
F12_M		-----C-A-----			
F30_M		-----			
43504_M		-----C-A-----A-----			
F43_M		-----C-A-----C-----			
F67_M		-----C-A-----C-----			
C5654_M		-----A-----			
C4602_M		-----C-----AA-----			
F32_M		-----	-----A-----		
C4601_M		-----C-A-----			
	151				
05676_M		CATTAAATGAATTGATTGTTAAAACCAATGGGGTGAGCGTGGGGGAATACA			
07145_M		-----	-----A-A-T-----T-----		
F12_M		-----	-----T-----T-----		
F30_M		-----T-G-----G-----T-----			
43504_M		-----T-G-----G-----T-----			
F43_M		-----	-----T-----		
F67_M		-----	-----T-----		
C5654_M		-----T-G-----G-TT-----T-----			
C4602_M		-----G-G-----A-A-T-----			

Fig 3a-1

```

F32_M      -----T-G-----G-----T-----
C4601_M    -----A-A--T-----

201
05676_M    CTCATTTTAGCGAAGATATAGGCAGTCAATCGCGCATCAATACCGTGCGT
07145_M    -----
F12_M      -----
F30_M      -----
43504_M    -----C-----
F43_M      -----
F67_M      -----
C5654_M    --T-----C-----
C4602_M    -----
F32_M      -----C-----
C4601_M    -----A-----

```

```

251
05676_M    TTGGAAACTGGCACTAGGTCAATCTTTTCTGGGGGTGTCAAATTTAAAG
07145_M    -----C-T--C-----T-----G-
F12_M      -----T-----G-
F30_M      -----G-
43504_M    --A-----
F43_M      -----A--C--T-----G-
F67_M      -----A--C--T-----G-
C5654_M    -----A--C--T-----G-
C4602_M    -----A-----
F32_M      -----
C4601_M    -----A-----T-----G-

```

Seq ID NO

---	44
---	45
---	46
---	47
---	48
---	49
---	50
---	51
---	52

Fig 3a - 2

	1
29401_M	TTTAAGAGTGGGATGCCCATACGGCTAATTTTAATGGCAATATTTATCTGG
05677_M	-----T-----A-----T-----
F31_M	-----C-----T-----A-----T-----
F24_M	C-----T-----A-----T-----T-----
F28_M	-----T-----A-----T-----
F76_M	-----T-----A-----T-----
F68_M	-----T-----A-----T-----
F90_M	-----G-----T-----A-----T-----T-----
C5825_M	-----C-----T-----A-----T-----T-----
C4084_M	-----T-----A-----T-----
C4598_M	C-----T-----A-----T-----

	M1F	P4M2
29401_M	GAAAAATCCACGAATTTAAGAGTGAATGGCCATACCGCTCATTTTAAAAAC	
C5677_M		G-----T
F31_M		G-----T
F24_M		G-----T
F26_M		G-----T
F75_M		G-----T
F66_M		G-----T
F90_M		G-----T
C5625_M		G-----T
C4084_M	A	G-----T
C4598_M		G-----T

	101	P2M2	H general
29401_M	ATTGATGCTACAAAGAGCGGATAACGGGCTAAACA	CTAGCACCTT	TGGATT
05677_M	-C-	-G-T-	-
F31_M	-C-GC-	-G-T-	-
F24_M	-C-GT-	-TG-T-	-
F28_M	-C-GT-	-C-T-	-
F76_M	-C-GT-	-T-T-	-
F68_M	-C-GT-	-G-T-	-
F90_M	-C-GT-	-GYT-	-
C5825_M	-C-	-G-T-	-
C4084_M	-C-GT-	-T-T-	-TG-T-
C4598_M	-GT-	-G-T-	-

	H ₁ R
29401_M	CAGTGGCGTTACAGACALAGTCAATATCAACAAGCTCACTACGGCTGCCA
05677_M	T-----T-----AT----
F31_M	-----C-----AT----
F24_M	T--C-----T-----AT----
F28_M	--C-----T-----AT----
F76_M	-----C-----AT----
F68_M	Y--C-----Y-----AT----
F90_M	T--C-----Y-----AT----
C5825 M	--C-----T-----AT----

Fig 3b-1

C4084_M G--C-----A-----
 C4598_M T--C-----AT-----

201
 29401_M CTAATGTGAATATTAAAACTTTGACATTAAGGAATTGGTGGTTACAACC
 05677_M -----CG-C-----A-----
 F31_M -----CG-----G-----
 F24_M -----CG-----
 F28_M -----C-----A-----
 F76_M -----CG-----
 F68_M -----CG-----A-----
 F90_M -----CR-----Y-----
 C5825_M -----C-----
 C4084_M -----C-----A-----G-----
 C4598_M -----C-----

251
 29401_M CGTGTTCAGAGTTTTGGGCAATACACTATTTTTGGCGAAAATATAGGCCGA
 05677_M -----A-----
 F31_M -----
 F24_M --A--A-----
 F28_M --A-----
 F76_M --C-----
 F68_M --A--A-----
 F90_M --A--A-----
 C5825_M --A--A-----
 C4084_M -----A-----
 C4598_M --A--A-----

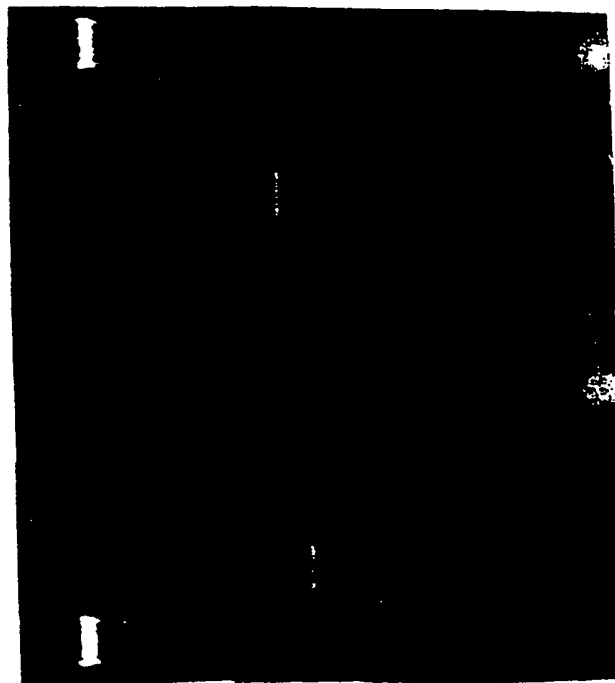
301
 29401_M TAAGTCTCGCATTGGTGTCTGTGAGTTTGCAAACGGGATATAGCCCCGGCCT
 05677_M -----T-----
 F31_M -----
 F24_M -----T-----
 F28_M ---CTG-A-----A---
 F76_M -----T-----
 F68_M -----T-----
 F90_M -M-----T-----R-----
 C5825_M -----
 C4084_M -C-A-G-----T-----T-C-----
 C4598_M -----

351
 29401_M ATTCTGGGGGCGTTACTTTTAAAGG Seq ID N°
 05677_M -----A-----
 F31_M -----A----- 83
 F24_M -----A----- 84
 F28_M -----GC-----A----- 85
 F76_M -----A----- 86
 F68_M -----A----- 87
 F90_M -----A----- 88
 C5825_M -----A----- 89
 C4084_M -----A----- 90
 C4598_M -----A----- 91

Fig 3b-2

Gastric biopsy 18

M A B C D E F G M

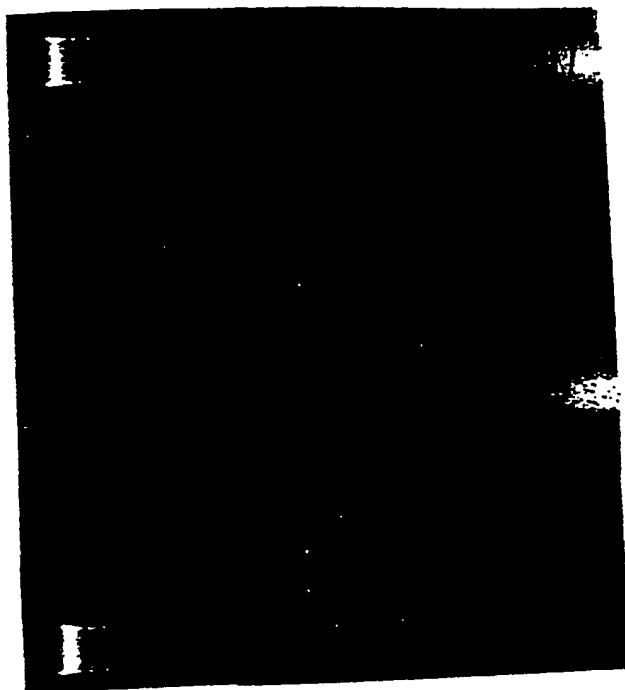


506/517
 396
 220
 154
 75

Fig. 4

Gastric biopsy 41

M A B C D E F G M



506/517

396

220

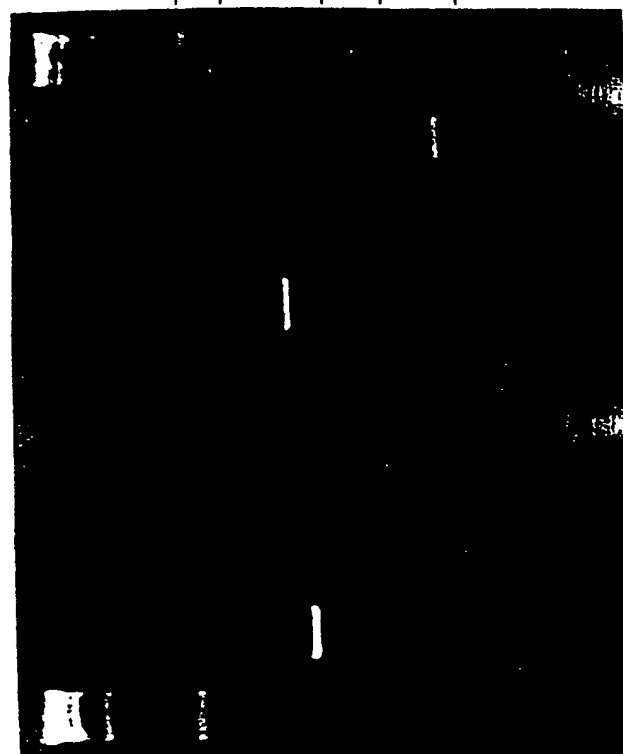
154

75

Fig. 5

isolate F67

M A B C D E F G M



506/517

396

220

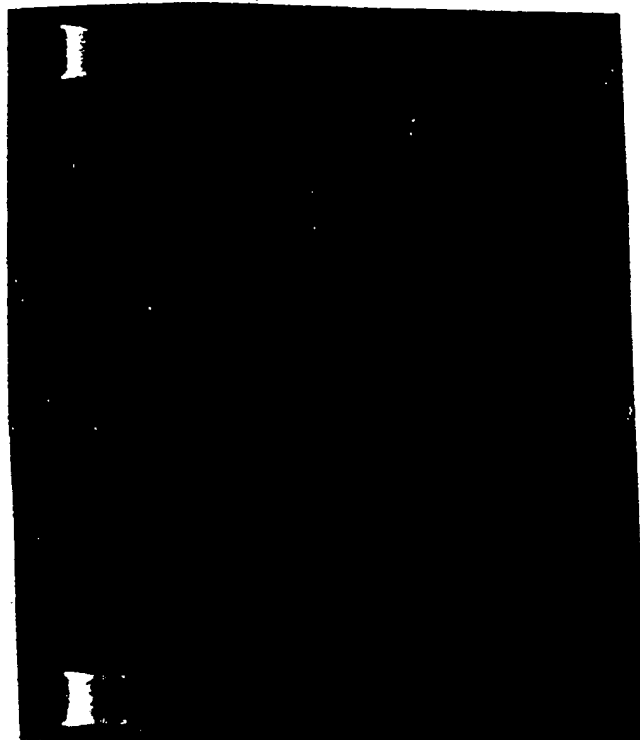
154

75

Fig. 6

isolate 25

M A B C D E F G M



506/517

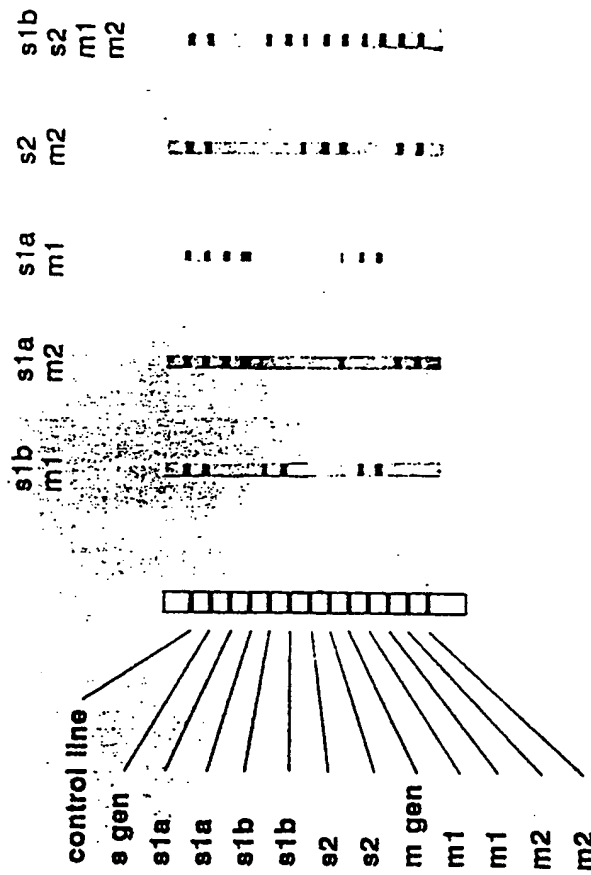
396

220

154

75

Fig. 7



Outline of *Helicobacter pylori* vacA LiPA

Fig. 8

multiplex PCR vacA s/m and cagA

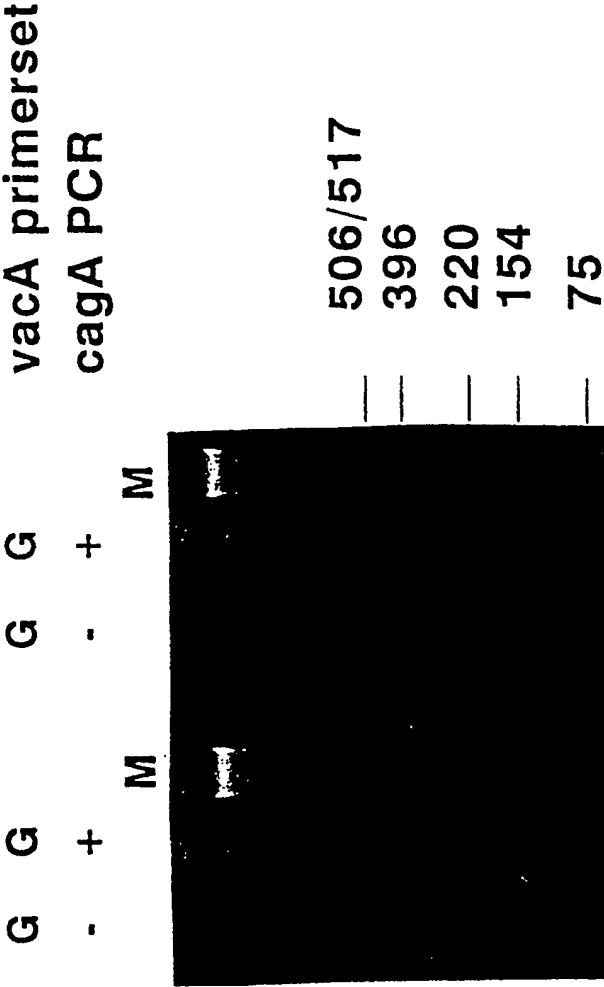


Fig. 9

16/61

Figure 10 Alignment of cagA nucleic acid sequences

START ORF	CagSF (seq id no 19; fwd)	
AMST7001C2	ATGACTAACGAAACCATTTAA-C---CAACAAC-----CACAAAG	35
AMS23001C2	ATGACTAACGAAACCATTTAA-C---CAACAAC-----CACAAAC	35
8832001C2	ATGGCTAACGAAACTATTAA-C---CAACAAC-----CACAAAC	35
AUS10001C2	ATGACTAACGAAACCATTTAA-C---CAACAAC-----CACAAAC	35
HPCAICEU2	ATGACTAACGAAACCATTTGA-C---CAACAAC-----CACAAAC	35
AMS45001C2	ATGACTAACGAAACCATTTAA-C---CAACAAC-----CACAAAC	35
AM79001C2	ATGACTAACGAAACCATTTAA-C---CAACAAC-----CACAAAC	35
AUS5001C2	ATGACTAACGAAACCATTTAA-C---CAACAAC-----CACAAAC	35
AUS21RCAG2	ATGACTAACGAAACCATTTAA-C---CAACAAC-----CACAAAC	35
I16001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGA-C---CAACAAC-----CACAAAC	35
AI9001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGA-C---CAACAAC-----CACAAAC	35
I17001C2	ATGACTAACGAAACCATTTAA-C---CAACAGC-----CACAAAC	35
AM82001C2	ATGACTAACGAAACCATTTAA-C---CAACAAC-----CACAAAC	35
AUS1001C2	ATGACTAACGAAACCATTTAA-C---CAACAAC-----CACAAAC	35
HPMAJCEU2	ATGACTAACGAAACCATTTGA-C---CAACAAC-----CACAAAC	35
AM105001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGA-T---CAACAAC-----CACGAAC	35
J123001C2	ATGACTAACGAAACCATTTAA-C---CAACAAC-----CACAAAC	35
J39001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGATCAAACAAGAACACAGACCAACAAAG	50
HK7001C2	ATGACTAATGAAACCATTTGATCAAACAACCAACACAGATCAAAACACCAA	50
HK12001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGATCAAACAACCAACACAGATCAAAACACCAA	50
HK8001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGATCAAACAACCAACACAGATCAAAACACCAA	50
CH2001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGATCAAACAACCAACACAGATCAAAACACCAA	50
CH4001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGATCAAACAACCAACACAGATCAAAACACCAA	50
HK9001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGATCAAACAACCAACACAGATCAAAACACCAA	50
8828001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGATCAAACAACCAACACAGATCAAAACACCAA	50
. ** * * * * * * * * * * * * * * * * * *		*** **

[illegible]

18/61

cagSR (seq id no 20; rev)

AMST7001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AMS23001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
8832001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AUS10001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
HPCAICEU2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AMS45001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AM79001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AUS5001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AUS21RCAG2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
I16001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AI9001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
I17001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AM82001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AUS1001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
HPMAJCEU2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AM105001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
J123001C2	TTATTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATTTGATCCTGATCAAAAACCA	135
J39001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATTTGATCCTGATCAAAAACCA	135
HK7001C2	TTATTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTCTTTCATTTGATCCTGATCAAAAACCA	150
HK12001C2	TCCTTAAAGTTGATAGCGCTGTGCGCTTCATTTGATCCTGATCAAAAACCA	150
HK8001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATTTGATCCTGATCAAAAACCA	150
CH2001C2	TTATTTAAAGTTGATGACGCTGTGCGCTTCATTTGATCCTGATCAAAAACCA	150
CH4001C2	TTATTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTTCATTTGATCCTGATCAAAAACCA	150
HK9001C2	TTATTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTTTATTTGATCCTGATCAAAAACCA	150
8828001C2	TTATCAAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATTTGATCCTGATCAAAAACCA	150

* * * * * *****

19/61

F1 (Tummuru¹)

AMST7001C2	ATCGTTGATAAGAACGATAGGGATAATAGGCAAGCTTTTGTGATGGAATCTC	185
AMS23001C2	ATCGTTGATAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGTGATGGAATCTC	185
8832001C2	ATCGTTGATAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGTGATGGAATCTC	185
AUS10001C2	ATCGTTGATAAGAACGATAGGGATAATAGGCAAGCTTTTGTGATGGAATCTC	185
HPCAICEU2	ATCGTTGATAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGAAGGAATCTC	185
AMS45001C2	ATCGTTGATAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGTGATGGAATCTC	185
AM79001C2	ATCGTTGATAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGTAGATAATCTC	185
AUS5001C2	ATTATTGATAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGTGATGGAATCTC	185
AUS21RCAG2	ATCATTGATAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGTAGATAATCTC	185
I16001C2	ATCGTTGATAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGTGATGGAATCTC	185
AI9001C2	ATCGTTGATAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGTGATGGAATCTC	185
I17001C2	ATCGTTGATAAGAACGATAGGGATAATAGGCAAGCTTTTGTGATGGAATCTC	185
AM82001C2	ATCGTTGATAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGTGATGGAATCTC	185
AUS1001C2	ATCGTTGATAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGTGATGGAATCTC	185
HPMAJCEU2	ATCGTTGATAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGTGATGGAATCTC	185
AM105001C2	ATCGTTGATAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGTGATGGAATCTC	185
J123001C2	ATCGTTGATAAGAAATGATAGGGATAATAGGCAAGCTTTTGTGAGAAAATCTC	185
J39001C2	ATCGTTGATAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGTGAGAAAATCTC	200
HK7001C2	ATCGTTGATAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGTGAGAAAATCTC	200
HK12001C2	ATCGTTGATAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGTGAGAAAATCTC	200
HK8001C2	ATCGTTGATAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGTGAGAAAATCTC	200
CH2001C2	ATCGTTGATAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGTGAGAAAATCTC	200
CH4001C2	ATCGTTGATAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGTGAGAAAATCTC	200
HK9001C2	ATCGTTGATAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGTGAGAAAATCTC	200
8828001C2	ATCGTTGATAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGTGAGAAAATCTC	200

** .***** *****
cagFN1 (seq id no 21)

20/61

	cagR (seq id no 13)	cagprobe3 (seq id no 27)	
AMST7001C2	GCAATTAAAGGGAAGAAATACTCCAATAAAGCGATCAAAAATCCTACCAAAA	235	
AMS23001C2	GCAATTAAAGGGAAGAAATACTCCAATAAAGCGATCAAAAATCCTACCAAAA	235	
8832001C2	GCAATTAAAGGGAAGAAATACTCCAATAAAGCGATCAAAAATCCTACCAAAA	235	
AUS10001C2	GCAATTAAAGGGAAGAAATACTCCAATAAAGCGATCAAAAATCCTACCAAAA	235	
HPCAICEU2	GCAATTAAAGGGAAGAAATACTCCAATAAAGCGATCAAAAATCCTACCAAAA	235	
AMS45001C2	GCAATTAAAGGGAAGAAATACTCCAATAAAGCGATCAAAAATCCTACCAAAA	235	
AM79001C2	ACAATTAAAGGGAAGAAATACTCCAATAAAGCGATCAAAAATCCTACCAAAA	235	
AUS5001C2	GCAATTAAAGGGAAGAAATACTCCAATAAAGCGATCAAAAATCCTACCAAAA	235	
AUS21RCAG2	GCAATTAAAGGGAAGAAATACTCCAATAAAGCGATCAAAAATCCTACCAAAA	235	
I16001C2	GCAATTAAAGGGAAGAAATACTCCAATAAAGCGATCAAAAATCCTACCAAAA	235	
AI9001C2	GCAATTAAAGGGAAGAAATACTCCAATAAAGCGATCAAAAATCCTACCAAAA	235	
I17001C2	GCAATTAAAGGGAAGAAATACTCCAATAAAGCGATCAAAAATCCTACCAAAA	235	
AM82001C2	GCAATTAAAGGGAAGAAATACTCCAATAAAGCGATCAAAAATCCTACCAAAA	235	
AUS1001C2	GCAATTAAAGGGAAGAAATACTCCAATAAAGCGATCAAAAATCCTACCAAAA	235	
HPMAJCEU2	GCAATTAAAGGGAAGAAATACTCCAATAAAGCGATCAAAAATCCTACCAAAA	235	
AM105001C2	GCAATTAAAGGGAAGAAATACTCCAATAAAGCGATCAAAAATCCTACCAAAA	235	
J123001C2	GCAGCTAAGGGAGGAATTTCGCTAATAAAGCGATCAAAAATCCTGCGCAAAA	235	
J39001C2	GCAGCTAAGGGAGGAATTTCGCTAATAAAGCGATCAAAAATCCTGCGCAAAA	250	
HK7001C2	GCAACTAAGGGAAGAAATACGCCAATAAAGCGATCAAAAATCCTGCGCAAAA	250	
HK12001C2	GCAACTAAGGGAAGAAATACGCCAATAAAGCGATCAAAAATCCTGCGCAAAA	250	
HK8001C2	GCAACTAAGGGAAGAAATACGCCAATAAAGCGATCAAAAATCCTGCGCAAAA	250	
CH2001C2	GCAACTAAGGGAAGAAATACGCCAATAAAGCGATCAAAAATCCTGCGCAAAA	250	
CJH4001C2	GCAACTAAGGGAAGAAATACGCCAATAAAGCGATCAAAAATCCTGCGCAAAA	250	
HK9001C2	GCAACTAAGGGAAGAAATACGCCAATAAAGCGATCAAAAATCCTGCGCAAAA	250	
8828001C2	GCAATTAAAGGGAAGAAATACGCCAATAAAGCGATCAAAAATCCTGCGCAAAA	250	

. **. ****. * * *****. *****. *****. *****.

21/61

cagRN1 (seq id no 22)

AMST7001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
AMS23001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
8832001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
AUS10001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
HPCAICEU2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
AMS45001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
AM79001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCGATAAGAGCAACGATTTAATCAAC	285
AUS5001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCGATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
AUS21RCAG2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCGATAAGAGCAACGATTTAATCAAC	285
I16001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
AI9001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
I17001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
AM82001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCGATAAGAGCAACGATTTAATCAAC	285
AUS1001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
HPMAJCEU2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
AM105001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
J123001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
J39001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
HK7001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	300
HK12001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	300
HK8001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	300
CH2001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	300
CH4001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	300
HK9001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	300
8828001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	300

***** * .. ***** .. ***** * .. ***** * .. *****

23/61

AMST7001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
AMS23001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
8832001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
AUS10001C2	TTGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
HPCAICEU2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
AMS45001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
AM79001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
AUS5001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
AUS21RCAG2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
I16001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAATG	385
AI9001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
I17001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
AM82001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
AUS1001C2	TGGGACTCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
HPMAJCEU2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
AM105001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
J123001C2	TGGGACTCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
J39001C2	TGGGACTCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	400
HK7001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	400
HK12001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	400
HK8001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	400
CH2001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	400
CH4001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	400
HK9001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	400
8828001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	400

. **. ***** * . * . *****. ***** *

AMST7001C2	ATCCGTC TAAAAATCAACACCCGATCGATCCGAAATTTTATGGAATAATATC	435
AMS23001C2	ATCCGTC TAAAAATCAACACCCGATCGATCCGAAATTTTATGGAATAATATC	435
8832001C2	ATCCGTC TAAAAATCAACACCCGATCGATCCGAAATTTTATGGAATAATATC	435
AUS10001C2	ATCCGTC TAAAAATCAACACCCGATCGATCCGAAATTTTATGGAATAATATC	435
HPCAICEU2	ATCCGTC TAAAAATCAACACCCGATCGATCCGAAATTTTATGGAATAATATC	435
AMS45001C2	ATCCGTC TAAAAATCAACACCCGATCGATCCGAAATTTTATGGAATAATATC	435
AM79001C2	ATCCGTC TAAAAATCAACACCCGATCGATCCGAAATTTTATGGAATAATATC	435
AUS5001C2	ATCCGTC TAAAAATCAACACCCGATCGATCCGAAATTTTATGGAATAATATC	435
AUS21RCAG2	ATCCGTC TAAAAATCAACACCCGATCGATCCGAAATTTTATGGAATAATATC	435
I16001C2	ATCCGTC TAAAAATCAACACCCGATCGATCCGAAATTTTATGGAATAATATC	435
AI9001C2	ATCCGTC TAAAAATCAACACCCGATCGATCCGAAATTTTATGGAATAATATC	435
I17001C2	ATCCGTC TAAAAATCAACACCCGATCGATCCGAAATTTTATGGAATAATATC	435
AM82001C2	ATCCGTC TAAAAATCAACACCCGATCGATCCGAAATTTTATGGAATAATATC	435
AUS1001C2	ATCCGTC TAAAAATCAACACCCGATCGATCCGAAATTTTATGGAATAATATC	435
HPMAJCEU2	ATCCGTC TAAAAATCAACACCCGATCGATCCGAAATTTTATGGAATAATATC	435
AM105001C2	ATCCGTC TAAAAATCAACACCCGATCGATCCGAAATTTTATGGAATAATATC	435
J123001C2	ATCCATCTAAAAATCAACACCCCAAAAAATCCGAGGTTTATGGAATAATATC	435
J39001C2	ATCCATCTAAAAATCAACACCCCAAAAAATCCAGATTTTATGGAATAATATC	450
HK7001C2	ATCCGTC TAAAAATCAACACCCGACAAATCCGAAATTTTATGGAATAATATC	450
HK12001C2	ATCCGTC TCAAAATCAACACCCGACAAATCCGAAATTTTATGGAATAATATC	450
HK8001C2	ATCCGTC TAAAAATCAACACCCCAAAATCCGAAATTTTATGGAATAATATC	450
CH2001C2	ATCCGTC TAAAAATCAACACCCCAAAATCCGAAATTTTATGGAATAATATC	450
CH4001C2	ATCCGTC TCAAAATCAACACCCCAAAATCCGAAATTTTATGGAATAATATC	450
HK9001C2	ATCCGTC TCAAAATCAACACCCGACAAATCCGAAATTTTATGGAATAATATC	450
8828001C2	ATCCGTC TAAAAATCAACACCCCAAAATCCGAAATTTTATGGAATAATATC	450
****.*** ***** * **** * *** ***** *		

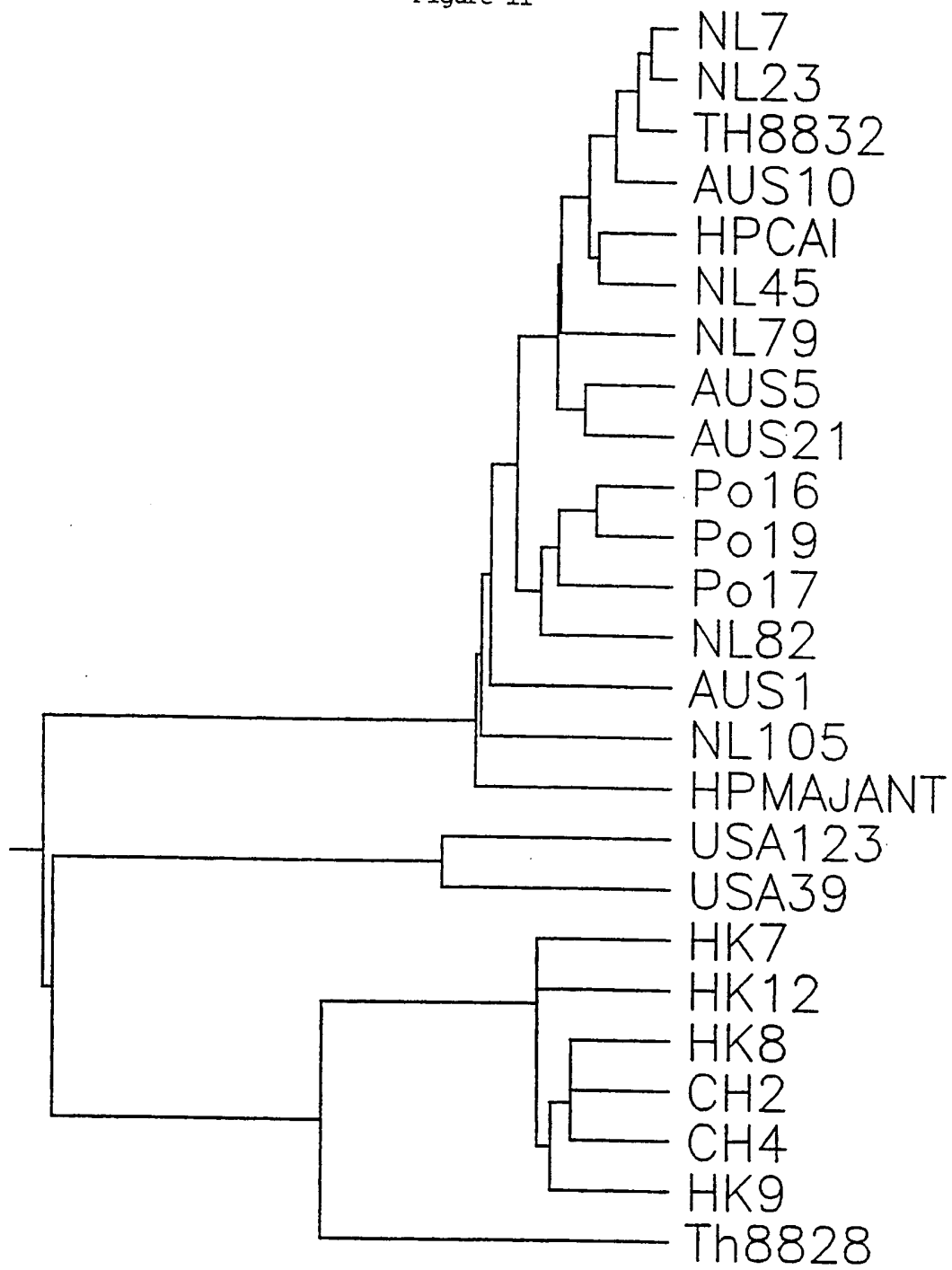
25/61

AMST7001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 92)
AMS23001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 93)
8832001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 94)
AUS10001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 95)
HPCAICEU2	ATACAACCCCTAT	449	(Genbank access. X70039)
AMS45001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 96)
AM79001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 97)
AUS5001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 98)
AUS21RCAG2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 99)
I16001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 100)
AI9001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 101)
I17001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 102)
AM82001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 103)
AUS1001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 104)
HPMAJCEU2	ATACAACCCCTAT	449	(Genbank access. L11714)
AM105001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 105)
J123001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 106)
J39001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 107)
HK7001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 108)
HK12001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 109)
HK8001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 110)
CH2001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 111)
CH4001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 112)
HK9001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 113)
8828001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 114)

¹ Tummuru et al., 1993. Inf. & Immun. 61, 5, 1799-1809.

26/61

Figure 11



27/61

Figure 12 Alignment of vacA s1 and s2 sequences

s2

1

29401_SSEQ CCCTATTATTCTCTCGCTTAGTGGGGTGTATGGCACCGAACCTGG
 C3964_SSEQ -----C-----C-----T-----A-----
 C4599_SSEQ -----C-----C-----T-----A-----
 F24_SSEQ -----C-----C-----A-----A-----
 J262001 -----C-----C-----A-----A-----
 F28_SSEQ -----C-----C-----T-----A-----
 AUS24001 -----C-----C-----A-----A-----
 C4600_SSEQ -----C-----R-----A-----A-----
 AUS15001 -----C-----C-----A-----A-----
 F90_SSEQ -----C-----C-----A-T-----A-----
 J154001 -----C-----A-----A-----A-----
 CR3001 -----C-----C-----AA-----A-----

s1c

HK43001 ---T-AG-----T-A-GG-CA---T-AC---
 N3001 ---T-AG-----T-A-GG-CA---T-AC---
 HK51001 ---T-AG-----T-A-GG-CA---T-AC---
 HK41001 ---C-AG-----T-A-GG-CA---T-AC---
 HK35001 ---C-AG-----T-A-GG-CA---T-AC---
 95_24001 ---T-AG-----T-A-GG-CA---T-AC---
 TH8835001 ---T-AG-----T-A-GG-CA---T-AC---
 TH8828001 ---T-AG-----C-A-GG-CA---T-AC---
 95_20001 ---T-AG-----T-A-GG-CA---T-AC---
 HK48001 ---T-AG-----C-A-GG-CA---T-AC---
 HK46001 ---T-AG-----C-A-GG-CA---T-AC---
 TH8832001 ---T-AG-----C-A-GG-CA---T-AC---
 HK44002 ---C-GG-A-----C-A-GG-CA---T-AC---
 HK42001 ---C-GG-----C-A-GG-CA---T-AC---

28/61

1

CH2001 ---C-GG-----C-A-GG-CA--T-AC--...
 NIP2001 ---C-GG-----C-A-GG-CA--T-AC--...
 CH4001 ---C-GG-----C-A-GG-CA--T-AC--...
 N5001 ---C-GG-----C-A-GG-CA--T-AC--...
 NIP1001 ---C-GG-----T-A-GG-CA--T-AC--...
 TH8839001 ---T-AG-----T-A-GG-TA--T-AC--...
 HK67001 ---C-GG-----C-A-GG-CA--T-AC--...

slb

F68_SS ---T-AG---CT-T---CA-A-C--G--TA--T--AT--...
 AUS5001 ---T-AG---T---CA-A-C--G--TA-TG--AT--...
 AUS19001 ---T-AG---T---CA-A-C--G--TA-G--AT--...
 C4602_SS ---T-AG---T---CA-A-C--T--TA-G--AT--...
 TH8837001 ---T-AG---T---CA-A-C--G--TA-G--AT--...
 C4601_SS ---T-AG---T-T---CA-A-C--G--TA-TG--AT--...
 C4598_SS ---T---T---CA-A-C--G--TA--T--AT--...
 F69_SS ---T-AG---T---CA-NA-C--N--TA-TG--AT--...
 9011001 ---T-GG---T---CA-A-C--G--TA-G--AT--...
 9022001 ---T-AG---T---CA-A-C--G--TA-G--AT--...
 F12_SS ---T-AG---T---CA-A-C--G--TA-G--AT--...
 F76_SS ---T-AG---T---CA-A-C--G--TA-G--AT--...
 F73_SS ---T-AG---T-T---CA-A-C--G--TA-G--AT--...
 F67_SS ---T-GG---T---CA-A-C--G--TA-G--AT--...
 9016001 ---T-AG---T---CA-A-C--G--TA-G--AT--...
 9019001 ---T-AG---T---CA-A-C--G--TA-G--AT--...
 F88_SS ---T-AG---T---CA-A-C--G--TA-TG--AT--...
 F70_SS ---T-AG---T---CA-A-C--G--TA-TG--AT--...
 J133001 ---T-AG---T---CA-A-C--G--TA-TG--AT--...
 J174001 ---T-AG---T---CA-A-C--G--TA-TG--AT--...
 CR1001 ---T-AG---T-T---CA-A-C--G--TA-G--AT--...
 CR18001 ---T-AG---T-T---CA-A-C--G--TA-G--AT--...

29/61

1

F25_SS ---T-AG-----T-----CA-A-C--G--TA-G-AT-...
9013001 ---T-GG-----T-----CA-A-C--G--TA-T-AT-...
F46_SS ---T-GG-----T-----CA-A-C--G--TA-T-AT-...
F8_SS ---T-GG-----T-----CA-A-C--G--TA-T-AT-...
F43_SS ---T-GG-----T-----CA-A-C--G--TA-T-AT-...
F63_SS ---T-AG-----T-----CA-A-C--G--TA-T-AT-...
F31_SS ---T-AG-----T-----CANNA-C--G--TA-R-AT-...
F42_SS ---T-AG-----T-T-----CA-A-C--G--TA-G-AT-...
9012001 ---C-GG-----G-T-----CA-A-C--G--TA--T-AC-...

sla

HP07145_S1 ---C-GG-----A-A-CA--G-CA--T-AC-...
J123001 ---C-GG-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...
F30_SS ---C-GG-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...
C4330_SS ---C-GG-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...
C4705_SS ---C-GG-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...
J178001 ---T-GG-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...
43504_SS ---C-GG-----T-----A-A-C--G-CA--T-AC-...
C4819_SS ---C-AG-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...
C5825_SS ---T-AG-----T-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...
F32_SS ---C-G-----A-A-CA--G-CA--T-AC-...
HK66001 ---C-GG-----A-A-C--GG-CA--T-AC-...
CH5001 ---C-GG-----T-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...
CH3001 ---C-GG-----T-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...
CH8001 ---C-GG-----T-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...
CH7001 ---C-GG-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...
F74_SS ---Y-GG-----T-----A-A-CA--GR-TA-YRY-AY-...
AUS10001 -----C-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...

30/61

S2

51

```
29401_SSEQ GGGCTAACACGCCAAATGATCCATACACAGCGAGAGTCGCGCTTTTTC
C3964_SSEQ -----C-----C-----C-----T
C4599_SSEQ -----C-----C-----C-----
F24_SSEQ -----T-----C-----C-----
J262001 -----T-----C-----C-----
F28_SSEQ -----C-----C-----C-----T
AUS24001 -----C-----C-----C-----
C4600_SSEQ -----C-----C-----C-----
AUS15001 -----C-----C-----C-----T
F90_SSEQ -----C-----C-----C-----T
J154001 -----T-----C-----C-----
CR3001 -----C-----C-----C-----
```

slc

```
HK43001 -A-...-AA-AGT--G-...T-C-C-C-T
N3001 -A-...-AA-AGT--G-...T-C-C-C-T
HK51001 -A-...-AA-AGT--G-...T-C-C-C-T
HK41001 -A-...-AA-AGT--G-...T-C-C-C-T
HK35001 -A-...-AA-AGT--G-...T-C-C-C-T
95_24001 -A-...-AA-AGT--G-...T-C-C-C-T
TH8835001 -A-...-AA-AGT--G-...T-C-C-C-T
TH8828001 -A-...-AA-AGT--G-...T-C-C-C-T
95_20001 -A-...-AA-AGT--G-...T-C-C-C-T
HK48001 -A-...-AA-AGT--G-...T-C-C-C-T
HK46001 -A-...-AA-AGT--G-...T-C-C-C-T
TH8832001 -A-...-AA-AGT--G-...T-C-C-C-T
HK44002 -A-...-AA-AGT--G-...T-C-C-C-T
HK42001 -A-...-AA-AGT--G-...T-C-C-C-T
```

31/61

51

CH2001	AA-AGT--G-	C-C-T
NIP2001	AA-AGT--G-	C-C-T
CH4001	A-AGT--G-	C-C-T
N5001	A-AGT--G-	C-C-T
NIP1001	AA-AGT--G-	C-C-T
TH8839001	AA-AGT--G-	C-C-T
HK67001	A-AGT--G-	C-C-T

slb

F68_SS	CA-AGT--G-	C-C-T
AUS5001	GA-AGT--G-	C-C-T
AUS19001	GAGAGT--G-	C-C-T
C4602_SS	GAGAGT--G-	C-C-T
TH8837001	GA-AGTT--G-	C-C-T
C4601_SS	GAGAGT--G-	C-C-T
C4598_SS	GA-AGT--G-	C-C-T
F69_SS	NANAGT--G-	C-C-T
9011001	CA-AGT--G-	C-C-T
9022001	CA-AGT--G-	C-C-T
F12_SS	CA-AGT--G-	C-C-T
F76_SS	CA-AGT--G-	C-C-T
F73_SS	CA-AGT--G-	C-C-T
F67_SS	CA-AGT--G-	C-C-T
9016001	CA-AGT--G-	C-C-T
9019001	GAGAGT--G-	C-C-T
F88_SS	GAGAGT--G-	C-C-T
F70_SS	GAGAGT--G-	C-C-T
J133001	GAGAGT--G-	C-C-T
J174001	GAGAGT--G-	C-C-T
CR1001	GAGAGT--G-	C-C-T
CR18001	GAGAGT--G-	C-C-T

33/61

s2

101
29401_SSEQ ACAACCGTGATCATTCAGCCATTGTTGGGG (Genbank access. U29401)
C3964_SSEQ (seq id no 115)
C4599_SSEQ (seq id no 116)
F24_SSEQ (seq id no 117)
J262001 (seq id no 118)
F28_SSEQ (seq id no 119)
AUS24001 (seq id no 120)
C4600_SSEQ (seq id no 121)
AUS15001 (seq id no 122)
F90_SSEQ (seq id no 123)
J154001 (seq id no 124)
CR3001 (seq id no 125)

s1c

HK43001 (seq id no 126)
N3001 (seq id no 127)
HK51001 (seq id no 128)
HK41001 (seq id no 129)
HK35001 (seq id no 130)
95_24001 (seq id no 131)
TH8835001 (seq id no 132)
TH8828001 (seq id no 133)
95_20001 (seq id no 134)
HK48001 (seq id no 135)
HK46001 (seq id no 136)
TH8832001 (seq id no 137)
HK44002 (seq id no 138)
HK42001 (seq id no 139)

34/61

101

CH2001	-----M-----	(seq id no 140)
NIP2001	-----	(seq id no 141)
CH4001	-----H-----	(seq id no 142)
N5001	-----Y-----A--	(seq id no 143)
NIP1001	-----A--	(seq id no 144)
TH8839001	-----T-----G-T----	(seq id no 145)
HK67001	-----C---CCCC	(seq id no 146)

slb

F68_SS	-----	(seq id no 147)
AUS5001	-----A-----T-----	(seq id no 148)
AUS19001	--G-----	(seq id no 149)
C4602_SS	--G-----	(seq id no 150)
TH8837001	--G-----	(seq id no 151)
C4601_SS	-----	(seq id no 152)
C4598_SS	--G-----	(seq id no 153)
F69_SS	--N-----N-----	(seq id no 154)
9011001	-----G-----	(seq id no 155)
9022001	-----	(seq id no 156)
F12_SS	-----	(seq id no 157)
F76_SS	-----	(seq id no 158)
F73_SS	--G-----	(seq id no 159)
F67_SS	--G-----	(seq id no 160)
9016001	-----V---G---A-	(seq id no 161)
9019001	--G-----	(seq id no 162)
F88_SS	--G-----	(seq id no 163)
F70_SS	--G-----	(seq id no 164)
J133001	--G-----	(seq id no 165)
J174001	-----R-----	(seq id no 166)
CR1001	-----A-----	(seq id no 167)
CR18001	--G-----A-----	(seq id no 168)

35/61

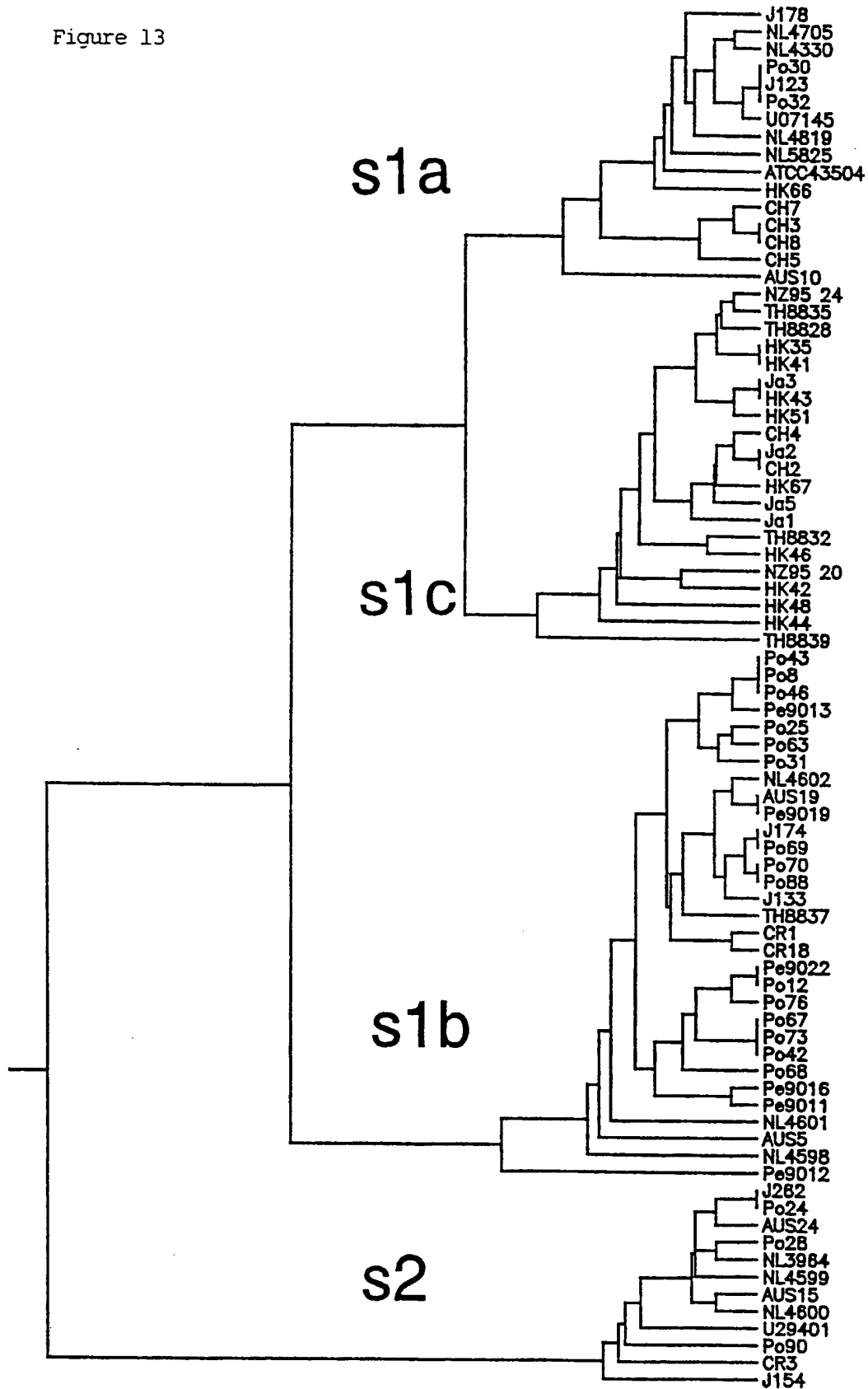
101
F25_SS (seq id no 169)
9013001 (seq id no 170)
F46_SS (seq id no 171)
F8_SS (seq id no 172)
F43_SS (seq id no 173)
F63_SS (seq id no 174)
F31_SS (seq id no 175)
F42_SS (seq id no 176)
9012001 (seq id no 177)

sla

HP07145_S1 (Genbank U07145)
J123001 (seq id no 178)
F30_SS (seq id no 179)
C4330_SS (seq id no 180)
C4705_SS (seq id no 181)
J178001 (seq id no 182)
43504_SS (seq id no 183)
C4819_SS (seq id no 184)
C5825_SS (seq id no 185)
F32_SS (seq id no 186)
HK66001 (seq id no 187)
CH5001 (seq id no 188)
CH3001 (seq id no 189)
CH8001 (seq id no 190)
CH7001 (seq id no 191)
F74_SS (seq id no 192)
AUS10001 (seq id no 193)

36/61

Figure 13



37/61

Figure 14 Alignment of vacA m-region nucleic acid sequences

1

29401_M	GTGGATGCCCATACGGCTAATTTTAATGGCAATATTTATCTGGGAAATC
05677_M	-----T-----A--T-----
HK43001	-----T-----A--T-----
HK66001	-----T-----A--T-----
N1AI001	-----T-----A--T-----
N5AI001	-----T-----A--T-----
C5825_M	-----T-----A--T-----T-----
CE91C001	-----T-----A--T-----
C4598_M	-----T-----A--T-----
F68_M	-----T-----A--T-----
HK42001	-----T-----A--T-----G-----
HK54001	-----T-----A--T-----G-----
HK33001	-----T-----A--T-----G-----
HK52001	-----T-----A--T-----G-----
HK50001	-----T-----A--T-----
HK29001	-----T-----A--T-----
HK47001	-----T-----A--T-----
HK51001	-----T-----A--T-----
CE192C001	-----T-----A--C-----T-----
F76_M	-----T-----A--T-----
HK35001	-----T-----A--T-----C-----
C4084_M	-----T-----A--T-----
N2_2001	-----T-----A--T-----
CR3001	-----T-----A--C-----G-----
AUS5001	-----T-----A--T-----G-----
J154001	-----T-----A--T-----G-----
F31_M	-----C--T-----A--T-----
J123001	-----T-----A--T-----

38/61

1

J133001	-----T-----A-----T-----T-----
F24_M	-----T-----A-----T-----T-----
J174001	-----T-----A-----T-----T-----
AUS15001	-----C-----T-----A-----T-----T-----
TH8835001	-----T-----T-----A-----T-----T-----
TH8828001	-----T-----T-----A-----T-----T-----
J262001	-----T-----T-----A-----T-----G-----T-----
F90_M	-G-----T-----T-----A-----T-----T-----
TH8839001	-----T-----T-----A-----T-----T-----
TH8837001	-----T-----T-----C-----T-----T-----
AUS24001	-----T-----T-----C-----T-----T-----
F28_M	-----T-----T-----A-----T-----T-----
9016_2001	-----T-----T-----A-----T-----T-----
9013_2001	A-----T-----T-----A-----T-----T-----
9012_2001	-----T-----T-----A-----T-----T-----
HK41001	-----T-----T-----ATC-----G-----T-----G-----T-----
HK46002	-----T-----T-----ATC-----G-----T-----G-----T-----
CH4001	-----T-----T-----ATC-----C-----G-----T-----G-----T-----
07145_M	-----T-----T-----A-----A-----T-----T-----
05676_M	-----T-----T-----A-----A-----T-----T-----
CE26C001	-----T-----T-----A-----A-----T-----T-----
F12_M	-----T-----T-----A-----A-----T-----T-----
C4601_M	-----T-----T-----A-----A-----T-----T-----
CE56C001	-----T-----T-----A-----A-----T-----T-----
CE197001	-----T-----T-----A-----A-----T-----T-----
C4602_M	-----T-----T-----A-----A-----T-----T-----
C5654_M	-----T-----T-----A-----A-----T-----T-----
CH3001	-----T-----T-----A-----A-----T-----T-----
CH5001	-----T-----T-----A-----A-----T-----T-----

39/61

CH7001	1-----A-----A-----
CR2001	-----T-----A-----
F67_M	-----T-----A-----
9019001	-----T-----A-----
9012_1001	-----T-----A-----
9022001	-----T-----A-----
9011001	-----GT-----A-----
9016_1001	-----T-----A-----
CR1001	-----T-----A-----
CR18001	-----T-----A-----
AUS10001	-----T-----A-----
NIP76001	-----T-----A-----
NIP32001	-----T-----A-----
N3AII001	-----T-----A-----
AUS1001	-----T-----A-----
F30_M	-----T-----A-----
F32_M	-----T-----A-----
J178001	-----GT-----A-----
N1B001	-C-AGC--T-----TC-----A-A-----
N5B001	-C-AGC--T-----TC-----A-A-----
HK40001	-C-AGACGT-----TC-----A-A-----
HK39001	-C-AGACGT-----TC-----A-A-----
CH8001	-----TC-----A-----
HK44001	-C-AGC--T-----TC-----A-A-----
HK45001	-C-AGC--T-----TC-----A-A-----
HK55001	-C-AGC--T-----TC-----A-A-----
HK30001	-C-AGC--T-----TC-----A-A-----
HK67002	-C-AGC--T-----TC-----A-A-----
HK49001	-C-AGC--T-----TC-----A-A-----
HK48001	AC-AGC--T-----TC-----A-A-----

40/61

51

29401_M	CACGAATTTAAGAGTGAATGGCCATACCGCTCATTTTFAAAAACATTGATG	T-----
05677_M	-----G-----	T-----
HK43001	-----G-----	T-----
HK66001	-----G-----	T-----
N1AI001	-----G-----	T-----
N5AI001	-----G-----	T-----
C5825_M	-----G-----	T-----
CE91C001	-----G-----	T-----
C4598_M	-----G-----	T-----
F68_M	-----G-----	T-----
HK42001	-----G-----	T-----
HK54001	-----G-----	T-----
HK33001	-----G-----	T-----
HK52001	-----C-----	T-----
HK50001	-----G-----	T-----
HK29001	-----G-----	T-----
HK47001	-----A-----	T-----
HK51001	-----A-----	T-----
CE192C001	-----G-----	T-----
F76_M	-----G-----	T-----
HK35001	-----A-----	T-----
C4084_M	-----A-----	T-----
N2_2001	-----A-----	T-----
CR3001	-----G-----	T-----
AUS5001	-----G-----	T-----
J154001	-----G-----	T-----
F31_M	-----G-----	T-----
J123001	-----G-----	T-----

41/61

51

J133001	-----G-----T-----
F24_M	-----G-----T-----
J174001	-----T-----T-----
AUS15001	-----G-----T-----
TH8835001	-----G-----T-----
TH8828001	-----G-----T-----
J262001	-----G-----T-----
F90_M	-----G-----T-----
TH8839001	-----G-----T-----
TH8837001	-----G-----T-----
AUS24001	-----G-----T-----
F28_M	-----G-----T-----
9016_2001	-----G-----T-----
9013_2001	-----G-----T-----
9012_2001	-----G-----T-----
HK41001	T---C---A---T---A-CA---G-T---
HK46002	---C---A---T---A-CA---G-T---
CH4001	---C---A---A-CA---G-T---
07145_MT-----A
05676_MT-----A
CE26C001T-----A
F12_MT-----A
C4601_MT-----A
CE56C001T-----A
CE197001T-----A
C4602_MT-----A
C5654_MT-----A
CH3001T-----A
CH5001T-----A

51.....T-----A
CH7001.....T-----A
CR2001.....T-----A
F67_M.....T-----A
9019001.....T-----A
9012_1001.....T-----A
9022001.....T-----A
9011001.....T-----A
9016_1001.....T-----A
CR1001.....T-----A
CR18001.....T-----A
AUS10001.....T-----A
NIP76001.....T-----A
NIP32001.....T-----A
N3AII001.....T-----A
AUS1001.....T-----A
F30_M.....T-----A
F32_M.....T-----A
J178001.....T-----A
N1B001.....T-----A
N5B001.....T-----A
HK40001.....T-----A
HK39001.....T-----A
CH8001.....T-----A
HK44001.....T-----A
HK45001.....T-----A
HK55001.....T-----A
HK30001.....T-----A
HK67002.....T-----A
HK49001.....T-----A
HK48001.....T-----A

101

29401_M	CTACAAAGAGCGATAACGGCTAAACACTAGCACCTTGGATTTCAGTGGC	-C-----G-T-----T-----
05677_M		-C-----T-----T-----C-----
HK43001		-C-----TG-T-----G-C-----
HK66001		-C-----G-T-----G-C-----
N1AI001		-C-----G-T-----G-C-----
N5AI001		-C-----G-T-----C-----
C5825_M		-C-GT-----T-----T-C-----
CE91C001		--GT-----G-T-----T-C-----
C4598_M		-C-GT-----G-T-----Y-C-----
F68_M		-C-GC-----TG-T-----T-C-----
HK42001		-C-GC-----TG-T-----T-C-----
HK54001		-C-GC-----TG-T-----T-C-----
HK33001		-C-GC-----TG-T-----T-C-----
HK52001		-C-----G-T-----T-----
HK50001		-C-GT-----TG-T-----T-C-----
HK29001		-C-GT-----T-T-----T-C-----
HK47001		-C-GT-----G-T-----G-C-----
HK51001		-C-GT-----T-T-----
CE192C001		-C-GT-----T-T-----
F76_M		-C-----G-T-----G-----
HK35001		-C-GT-----T-T-----G-C-----
C4084_M		-C-T-----G-T-----G-C-----
N2_2001		-C-GT-----G-T-----T-C-----
CR3001		-C-GC-----G-T-----T-C-----
AUS5001		--GT-----G-T-----T-C-----
J154001		-C-GC-----G-T-----C-----
F31_M		-C-GC-----T-----T-C-----
J123001		-C-GC-----T-----T-C-----

44/61

101

J133001	-C-GT-----G-T-----T-C--
F24_M	-C-GT-----TG-T-----T-C--
J174001	-C-GT-----G-T-----T-C--
AUS15001	-C-----T-----G-C--
TH8835001	-C-----T-----T-C--
TH8828001	-C-GT-----T-----G-C--
J262001	-C-GTG-----G-T-----T-C--
F90_M	-C-GT-----GYT-----T-C--
TH8839001	-C-----T-TA-----T-----G-C--
TH8837001	-C-GC-----
AUS24001	-C-GT-----G-T-----T-C--
F28_M	-C-GT-----C-T-----C--
9016_2001	--GT-----G-T-----G-C--
9013_2001	-C-T-----T-T-----G-T-----G-C--
9012_2001	-C-T-----T-T-----G-T-----G-C--
HK41001	-C-GC--G-TAGA-T-TA-CG--C-C-TT-----T-C--
HK46002	-C-GC--G-TAGA-T-TA-CG--C-C-TT-----T-C--
CH4001	-C-GC--G-TAGA-T-TA-CG--C-CT-TT-----T-C--
07145_M	-GGGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----
05676_M	-GGGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----T
CE26C001	-GGGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----T
F12_M	-GGGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----T
C4601_M	-GGGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----T
CE56C001	-GGGC--TG-T-G-TT-----A-----T-----
CE197001	-GGGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----
C4602_M	-GGGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----T
C5654_M	-GGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----T
CH3001	--GGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----T
CH5001	--GGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----T

CH7001 101--GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-----
CR2001 -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-----T-----T
F67_M -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-----T-----T
9019001 -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-----T-----T
9012_1001 -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-----T-----T
9022001 -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-----T-----T
9011001 -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-----T-----T
9016_1001 -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-----T-----T
CR1001 -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-----T-----T
CR18001 -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-----T-----T
AUS10001 -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-----T-----T
NIP76001 -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-----T-----T
NIP32001 -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-----T-----T
N3AII001 -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-----T-----T
AUS1001 -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-----T-----T
F30_M -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-----T-----T
F32_M -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-----T-----T
J178001 -GGT--TG-T-G-TT--...CA-----A-----T-----T
N1B001 -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-----T-----T
N5B001 -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-C-T-----T
HK40001 -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-----T-----T
HK39001 -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-----T-----T
CH8001 -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-----T-----T
HK44001 -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-C-T-----T
HK45001 -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-C-T-----T
HK55001 -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-----T-----T
HK30001 -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-----T-----T
HK67002 -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-C-T-----T
HK49001 -GGT--TG-T-G-TT--...-AT-----A-C-T-----T
HK48001 -GGT--TG-T-G-TT--...-A-----A-C-T-----T

46/61

151

29401_M	GTACAGACAAAGTCAATATCAACAAGCTCACTACGGCTGCCACTAATGT	
05677_M	-----T-----	-----AT-----
HK43001	-----	-----AT-----
HK66001	-----	-----AT-----
N1AI001	-----	-----AT-----
N5AI001	-----	-----AT-----
C5825_M	-----T-----	-----AT-----C-----
CE91C001	-----	-----AT-----
C4598_M	-----	-----AT-----
F68_M	-----Y-----	-----AT-----
HK42001	-----	-----AT-----
HK54001	-----	-----AT-----
HK33001	-----	-----AT-----
HK52001	-----	-----AT-----
HK50001	-----	-----AT-----
HK29001	-----	-----AT-----
HK47001	-----	-----AT-----
HK51001	-----	-----A-----
CE192C001	-----	-----AT-----
F76_M	-----	-----AT-----
HK35001	-----	-----AT-----
C4084_M	-----	-----A-----
N2_2001	-----A-----G-----	-----A-----
CR3001	-----	-----AT-----
AUS5001	-----T-----	-----AT-----
J154001	-----	-----AT-----
F31_M	-----	-----AT-----
J123001	-----T-----	-----A-----

47/61

151

J133001	-----	-----	AT-----
F24_M	-----	T-----	-----AT-----
J174001	-----	-----	-----AT-----
AUS15001	-----	-----	-----AT-----
TH8835001	-----	-----	-----AT-----
TH8828001	-----	-----	-----A-----
J262001	-----	-----	-----AT-----
F90_M	-----	Y-----	-----AT-----
TH8839001	-----	G-----	-----T-----A-----T-----
TH8837001	-----	-----	-----AT-----
AUS24001	-----	T-----	-----AT-----
F28_M	-----	T-----	-----AT-----
9016_2001	-----	A-----G-----	-----A-----
9013_2001	-----	A-----G-----	-----A-----
9012_2001	-----	A-----G-----	-----T-----C-----A-----
HK41001	-----	A-----G-----	-----C-----A-----C-----
HK46002	-----	A-----G-----	-----C-----A-----C-----
CH4001	-----	-----	-----A-----
07145_M	-----	-----	-----T-----T-----
05676_M	-----	A-----G-----	-----T-----T-----
CE26C001	-----	GT-----G-----	-----T-----T-----
F12_M	-----	GT-----G-----	-----TC-----A-----T-----
C4601_M	-----	GT-----G-----	-----TC-----A-----T-----
CE56C001	-----	G-----	-----T-----A-----T-----
CF197001	-----	G-----	-----T-----A-----T-----
C4602_M	-----	GT-----G-----	-----TC-----T-----
C5654_M	-----	A-----	-----T-----A-----T-----
CH3001	-----	G-----	-----T-----A-----T-----
CH5001	-----	G-----	-----T-----A-----T-----

48/61

CH7001	151----	A-----	-----	T--A--T--
CR2001	-----	GT-G-	-----	TC-A--T--
F67_M	-----	GT-G-	-----	TC-A--T--
9019001	-----	GT-G-	-----	TC-A--T--
9012_1001	-----	GT-G-	-----	T--T--T--
9022001	-----	GT-T-	-----	TC-A--T--
9011001	-----	GT-G-	-----	TA--T--T--
9016_1001	-----	GT-G-	-----	T--T--T--
CR1001	-----	-----	-----	TC-A--T--
CR18001	-----	-----	-----	T--T--T--
AUS10001	-----	-----	-----	T--A--T--
NIP76001	-----	A--G-	-----	T--T--T--
NIP32001	-----	A--G-	-----	T--A--T--
N3AII001	-----	A--G-	-----	T--T--T--
AUS1001	-----	-----	-----	T--A--T--
F30_M	-----	GT-G-	-----	T--T--T--
F32_M	-----	GT-G-	-----	T--T--T--
J178001	-----	GT-G-	C-----	T--T--T--
N1B001	-----	A--G-	-----	T--A--T--
N5B001	-----	A--G-	-----	T--A--T--
HK40001	-----	A--G-	-----	T--A--T--
HK39001	-----	A--G-	-----	T--A--T--
CH8001	-----	A--G-	-----	T--A--T--
HK44001	-----	A--G-	-----	T--A--T--
HK45001	-----	A--G-	A-----	T--A--T--
HK55001	-----	A--G-	A-----	T--A--T--
HK30001	-----	A--G-	-----	T--A--T--
HK67002	-----	A--G-	-----	T--A--T--
HK49001	-----	A--G-	-----	T--A--T--
HK48001	-----	A--G-	C-----	T--A--T--

49/61

201

29401_M	GAATATTAAAACTTTGACATTAAGGAATTGGTGGTTACAACCCGTTTC
05677_M	---CG-C-----A-----
HK43001	---C-----A-----G-----
HK66001	---C-----A-----
N1AI001	---CG-----
N5AI001	---CG-----A-----
C5825_M	---C-----A-----
CE91C001	---CG-----A-----
C4598_M	---C-----A-----
F68_M	---CG-----A-----A-----
HK42001	---C-----A-----A-----
HK54001	---C-----A-----A-----
HK33001	---C-----A-----A-----
HK52001	---C-----A-----A-----
HK50001	---C-----A-----A-----
HK29001	---C-----A-T-----A-----
HK47001	---C-----A-----
HK51001	---C-----T-----G-----
CE192C001	---CG-----A-----
F76_M	---CG-----C-----
HK35001	---C-----A-----
C4084_M	---C-----A-----G-----
N2_2001	-TCC-----A-----G-----
CR3001	---C-----
AUS5001	---C-----A-----
J154001	---CG-----A-----
F31_M	---CG-----G-----
J123001	---CG-----A-----A-----

50/61

201

J133001	---CG-----A-----
F24_M	---CG-----A-----
J174001	---CG-----A-----
AUS15001	---C-----A-----G-----
TH8835001	---C-----A-----
TH8828001	---C-----A-----G-----
J262001	---CG-----G-----
F90_M	---CR-----Y-----A-----
TH8839001	---C-----
TH8837001	---CG-----T-----A-----
AUS24001	---CG-----A-----
F28_M	---C-----A-----A-----
9016_2001	---C-----C-----
9013_2001	-TCC-----A-----G-----
9012_2001	-TCC-----A-----G-----
HK41001	-GCC-----T-----T-----AA-----T
HK46002	-GCC-----T-----T-----AA-----T
CH4001	-TCC-----T-----AA-----T
07145_M	-GCCG-----CA-----A-T-----A-----GGA
05676_M	-GCCG-----CA-----A-T-----A-----AA-GGG
CE26C001	-GCCG-----CA-----A-T-----A-----AA-GGG
F12_M	-GCCG-----CA-----A-T-----A-----AA-G-G
C4601_M	-GCCG-----CA-----A-T-----A-----AA-GGA
CE56C001	-GCC-----CA-----T-----AG-----AA-GGG
CE197001	-GCC-----CA-----T-----AG-----AA-GGG
C4602_M	-GCCG-----AACA-----T-----A-----AA-GGA
C5654_M	-GCCG-----CA-----T-----AG-TTAA-GGG
CH3001	-GCC-----CA-----T-----A-----AA-G-A
CH5001	-GCC-----CA-----T-----A-----AA-G-A

51/61

CH7001 201-GCC-----CA-----T-----A-----AA-G-A
CR2001 -GCCG-----CA-----T-----A-----AA-GGG
F67_M -GCCGC-----CA-----T-----A-----AA-GGG
9019001 -GCCG-----CA-----T-----A-----AA-G-G
9012_1001 -GCCG-----CA-----T-----A-----AA-GGG
9022001 -GCCG-----CA-----T-----A-----AA-GGG
9011001 -GCCG-----CA-----T-----A-----AA-G-G
9016_1001 -GCCG-----CA-----T-----A-----AA-G-G
CR1001 -GCCG-----CA-----T-----A-----AA-GGG
CR18001 -GCCG-----CA-----T-----A-----AA-GGG
AUS10001 -GCCG-----CA-----T-----A-----AA-GGG
NIP76001 -GCC-----CA-----T-----A-----AA-GGA
NIP32001 -GCCG-----CA-----T-----A-----AA-GGG
N3AII001 -GCCG-----CA-----T-----A-----AA-GGG
AUS1001 -GCC-----CA-----T-----A-----AA-GGG
F30_M -GCCG-----CA-----T-----A-----AA-GGG
F32_M AGCCG-----CA-----T-----A-----AA-GGG
J178001 -GCCG-----CC-----T-----A-T-G-A-----AA-GGA
N1B001 -GCC-----CA-----T-----A-----AA-GGA
N5B001 -GCCG-----CA-----T-----A-----AA-GGA
HK40001 -GCCG-----CA-----GT-----T-----A-----AA-GGA
HK39001 -GCCG-----CA-----GT-----T-----A-----AA-GGA
CH8001 -GCC-----CA-----T-----A-----AA-G-A
HK44001 -GCCG-----CA-----T-----A-----AA-GGA
HK45001 -GCCG-----CA-----T-----A-----AA-GGA
HK55001 -GCC-----CA-----T-----A-----AA-GGA
HK30001 -GCCG-----CA-----T-----A-----AA-GGA
HK67002 -GCCG-----CA-----T-----A-----AA-GGA
HK49001 -GCC-----T-CA-----T-----A-----AA-GGA
HK48001 -GCC-----CA-----T-G-----T-----A-----AA-GGA

52/61

251

29401_M	AGAGTTTGGGCAATACACTATTTTGGCGAAATATAGCGATAAGTCT
05677_M	-----A-----
HK43001	-----
HK66001	-----
N1AI001	-A-----G
N5AI001	-A-----G
C5825_M	-A-----G
CE91C001	-A-----C
C4598_M	-A-----
F68_M	-A-----
HK42001	-A-----
HK54001	-A-----
HK33001	-A-----
HK52001	-A-----
HK50001	-A-----
HK29001	-A-----
HK47001	-----
HK51001	-----A-----
CE192C001	-----T-----
F76_M	-----
HK35001	-----
C4084_M	-----A---C-A-G
N2_2001	-----C-A-G
CR3001	-----
AUS5001	-----
J154001	-----
F31_M	-----
J123001	-A-----

251

J133001	-----	-----	-----
F24_M	-A-----	-----	-----
J174001	-----	-T-----	-G-----
AUS15001	-----	-----	-----
TH8835001	-----	-----	-----
TH8828001	-----	-----	-T-----
J262001	-----	-----	-----
F90_M	-A-----	-----	-M-----
TH8839001	-A-----	-----	-----
TH8837001	-----	-----	-G-----
AUS24001	-A-----	-----	-----
F28_M	-----	-----	-CTG-----
9016_2001	-----	-----	-G-----
9013_2001	-----	-----	-C-A-G-----
9012_2001	-----	-----	-C-A-G-----
HK41001	T-----G-G--A--	-GA--AC--G--	-C-A-C-----
HK46002	T-----G-G--A--	-GA--AC--G--	-C-A-C-----
CH4001	T-----G-G--A--	-GA--AC--G--	-C-A-G-----
07145_M	TA-----G-G--G--	-T--CA--A--G--	-AG-C-A-G-----
05676_M	T-----CG-G--G--	-CA--A--G--	-AG-C-A-G-----
CE26C001	T-----G-G--G--	-CA--A--G--	-AG-C-A-G-----
F12_M	T-----G-G--G--	-CA--A--G--	-AG-C-A-G-----
C4601_M	TA-----G-G--G--	-CA--A--G--	-AAG-C-A-G-----
CE56C001	T-----CG-G--G--	-CA--A--G--	-AG-C-A-G-----
CE197001	T-----G-G--G--	-CA--A--G--	-AG-C-A-G-----
C4602_M	TA-----G-G--G--	-CA--A--G--	-AG-C-A-G-----
C5654_M	T-----G-G--G--	-TA--A--G--	-AG-C-A-G-----
CH3001	TA-----CG-G--G--	-CA--A--G--	-AG-C-A-G-----
CH5001	TA-----CG-G--G--	-CA--A--G--	-AG-C-A-G-----

CH7001 251TA--CG-G--G--A--A--G--G--G--AG-C-A--G
CR2001 T---G-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G
F67_M T---G-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G
9019001 T---G-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G
9012_1001 T---G-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G
9022001 T---CG-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G
9011001 T---G-G--G---TA---A---G---AG-C-A--G
9016_1001 T---G-G--G---TA---A---G---AG-C-A--G
CR1001 T---G-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G
CR18001 T---G-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G
AUS10001 TA---G-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G
NIP76001 T---CG-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G
NIP32001 T---CG-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G
N3AII001 T---CG-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G
AUS1001 T---G-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G
F30_M T---G-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G
F32_M T---G-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G
J178001 TA---G-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G
N1B001 TA---G-G--G---A---A---G---A--C-A--G
N5B001 TA---G-G--G---A---A---G---A--C-A--G
HK40001 TA---G-G--G---A---A---G---A--C-A--G
HK39001 TA---G-G--G---A---A---G---A--C-A--G
CH8001 TA---CG-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G
HK44001 TA---G-G--G---A---A---G---A--C-A--G
HK45001 TA---G-G--G---A---A---G---AG-C-A--G
HK55001 TA---G-G--G---A---A---G---A--C-A--G
HK30001 TA---G-G--G---A---A---G---A--C-A--G
HK67002 TA---G-G--G---A---A---G---A--C-A--G
HK49001 TA---G-G--G---A---A---G---AG-C-A--G
HK48001 TA---G-G--G---A---A---G---A--C-A--G

55/61

301

29401_M	CGCATTTGGTGTCTCGTGGTTTGCAACGGGATATAGCCCGGCCTATTCTGG	---
05677_M	---	T- - - - -
HK43001	---	T- - - - -
HK66001	-A- - - - -	T- - - - -
N1AI001	---	T- - - - -
N5AI001	---	T- - - - -
C5825_M	---	---
CE91C001	---	T- - - - -
C4598_M	---	---
F68_M	---	T- - - - -
HK42001	---	---
HK54001	---	---
HK33001	---	---
HK52001	---	---
HK50001	---	T- - - - -
HK29001	---	T- - - - -
HK47001	---	T- - - - -
HK51001	---	T- - - - -
CE192C001	---	T- - - - -
F76_M	---	T- - - - -
HK35001	---	T- - - - -
C4084_M	---	T- - - - -
N2_2001	---	T- - - - -
CR3001	---	T- - - - -
AUS5001	---	---
J154001	---	---
F31_M	---	---
J123001	---	T- - - - -

56/61

301

J133001	-----T-----
F24_M	-----T-----
J174001	-----T-----
AUS15001	-----
TH8835001	-----T-----
TH8828001	-----T-----
J262001	-----T-----G-C-----G-----
F90_M	-----T-----R-----
TH8839001	-----T-----
TH8837001	-----A-T-----
AUS24001	-----T-T-----
F28_M	-A-----A-----
9016_2001	-----T-----T-C-----
9013_2001	-----T-----T-C-----
9012_2001	-----T-----T-C-----
HK41001	-----A-C-----T-----
HK46002	-----A-T-----
CH4001	-A-----T-----T-C-----T-----
07145_M	-----CAA-AC-----C-----G-----T-CAC-----GT-ACTT-T-C-----
05676_M	-----CAA-AC-----C-----G-----T-CAC-----GT-AAT-T-----
CE26C001	-----CAA-AC-----C-----G-----T-CAC-----GT-AAT-----
F12_M	-----CAA-AC-----C-----G-----T-CAC-----GT-AAT-T-----
C4601_M	-----CAA-AC-----C-----G-----T-CAC-----AT-AAT-T-----
CE56C001	-----CAA-AC-----C-----G-----T-CAC-----GT-AAT-T-----
CE197001	-----CAACAC-----C-----G-----T-CAC-----GT-AAT-----
C4602_M	-----CAA-AC-----C-----G-----A-CAC-----GT-AAT-T-----
C5654_M	-----CAACAC-----C-----G-----T-CAC-----GT-AAT-----
CH3001	-----CAACAC-----C-----G-----T-CAC-----GT-AAT-----
CH5001	-----CAA-AC-----C-----G-----T-CAC-----GT-AAT-----

57/61

CH7001 301-----CAACAC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----
CR2001 -----CAA-AC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----
F67_M -----CAA-AC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----
9019001 -----CAACAC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----
9012_1001 -----CAA-AC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----
9022001 -----CAA-AC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----
9011001 -A---CAA-AC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----
9016_1001 -A---CAA-AC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----
CR1001 -----CAA-AC---C-----G-----T---CACC---GT-AAT---T-----
CR18001 -----CAA-AC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----
AUS10001 -A---CAA-AC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----
NIP76001 -----CAA-AC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----
NIP32001 -----CAA-AC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----
N3AII001 -----CAA-AC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----
AUS1001 -----CAACAC---C-----AG-----T---CAC---GT-AAT---T-----
F30_M -----CAA-AC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----
F32_M -----CAACAC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----
J178001 -----CAA-AC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----
N1B001 -----CAACAC---C-----G-----T---CACC---GT-AAT---T-----
N5B001 -----CAACAC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----
HK40001 -----CAACAC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----
HK39001 -----CAA-AC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----
CH8001 -----CAA-AC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----
HK44001 -----CAACAC---C-----AG-----T---CACC---GT-AAT-----
HK45001 -----CAA-AC---C-----AG-----T---CACC---GT-AAT-----
HK55001 -----CAA-AC---C-----AG-----T---CAC---GT-AAT-----
HK30001 -----CAACAC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----
HK67002 -----CAACAC---C-----AG-----T---CAC---GT-AAT-----
HK49001 -----CAACAC---C-----AG-----T---CAC---GT-AAT-----
HK48001 -----CAACAC---C-----AG-----T---CAC---GT-AAT-----

58/61

351

29401_M	GGCGGTACTTT	(Genbank U29401)
05677_M	-----	(Genbank U05677)
HK43001	-----	(seq id no 194)
HK66001	-----	(seq id no 195)
N1AI001	-----	(seq id no 196)
N5AI001	-----	(seq id no 197)
C5825_M	-----	(seq id no 198)
CE91C001	-----	(seq id no 199)
C4598_M	-----	(seq id no 200)
F68_M	-----	(seq id no 201)
HK42001	-----	(seq id no 202)
HK54001	-----	(seq id no 203)
HK33001	-----	(seq id no 204)
HK52001	-----	(seq id no 205)
HK50001	-----	(seq id no 206)
HK29001	-----	(seq id no 207)
HK47001	-----	(seq id no 208)
HK51001	-----	(seq id no 209)
CE192C001	-----	(seq id no 210)
F76_M	-----	(seq id no 211)
HK35001	-----	(seq id no 212)
C4084_M	-----	(seq id no 213)
N2_2001	-----	(seq id no 214)
CR3001	-----	(seq id no 215)
AUS5001	-----	(seq id no 216)
J154001	-----	(seq id no 217)
F31_M	-----	(seq id no 218)
J123001	-----	(seq id no 219)

59/61

351

J133001	---	(seq id no 220)
F24_M	---	(seq id no 221)
J174001	---	(seq id no 222)
AUS15001	---	(seq id no 223)
TH8835001	---	(seq id no 224)
TH8828001	---	(seq id no 225)
J262001	---	(seq id no 226)
F90_M	---	(seq id no 227)
TH8839001	---	(seq id no 228)
TH8837001	---	(seq id no 229)
AUS24001	---	(seq id no 230)
F28_M	---GC---	(seq id no 231)
9016_2001	---	(seq id no 232)
9013_2001	---	(seq id no 233)
9012_2001	---	(seq id no 234)
HK41001	---	(seq id no 235)
HK46002	---	(seq id no 236)
CH4001	---	(seq id no 237)
07145_M	---T---AA---	(Genbank U07145)
05676_M	---T---C-AA---	(Genbank U05676)
CE26C001	C--T---AA---	(seq id no 238)
F12_M	---T---AA---	(seq id no 239)
C4601_M	---T---AA---	(seq id no 240)
CE56C001	---T---C-AA---	(seq id no 241)
CE197001	---T---AA---	(seq id no 242)
C4602_M	---T---C-AA---	(seq id no 243)
C5654_M	C--T---AA---	(seq id no 244)
CH3001	C--T---AA---	(seq id no 245)
CH5001	C--T---AA---	(seq id no 246)

60/61

CH7001	351C--T-----AA---	(seq id no 247)
CR2001	C--T-----AA---	(seq id no 248)
F67_M	C--T-----AA---	(seq id no 249)
9019001	C--T-----AA---	(seq id no 250)
9012_1001	---T-----AA---	(seq id no 251)
9022001	---T--C-AA---	(seq id no 252)
9011001	---T--C-AA---	(seq id no 253)
9016_1001	---T--C-AA---	(seq id no 254)
CR1001	---T--C-AA---	(seq id no 255)
CR18001	---T--C-AA---	(seq id no 256)
AUS10001	---T--C-AA---	(seq id no 257)
NIP76001	---T--C-AA---	(seq id no 258)
NIP32001	---T--C-AA---	(seq id no 259)
N3AII001	---T--C-AA---	(seq id no 260)
AUS1001	---T--C-AA---	(seq id no 261)
F30_M	---T--C-AA---	(seq id no 262)
F32_M	---T--C-AA---	(seq id no 263)
J178001	---T--C-AA---	(seq id no 264)
N1B001	---T-----AA---	(seq id no 265)
N5B001	---T-----AA---	(seq id no 266)
HK40001	---T-----AG---	(seq id no 267)
HK39001	---T-----AG---	(seq id no 268)
CH8001	C--T-----AA---	(seq id no 269)
HK44001	---T-----AG---	(seq id no 270)
HK45001	---T-----AG---	(seq id no 271)
HK55001	---T-----AG---	(seq id no 272)
HK30001	---T-----AG---	(seq id no 273)
HK67002	---T-----AA---	(seq id no 274)
HK49001	---T-----AG---	(seq id no 275)
HK48001	---T-----AG---	(seq id no 276)

61/61

Figure 15

